

UNIVERSIDADE FEDERAL DE JUIZ DE FORA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
MESTRADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Cecília Fonseca Poggian

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA NA POPULAÇÃO
GUZERÁ SOB SELEÇÃO PARA PRODUÇÃO DE LEITE**

Juiz de Fora – MG

2008

CECÍLIA FONSECA POGGIAN

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA NA POPULAÇÃO
GUZERÁ SOB SELEÇÃO PARA PRODUÇÃO DE LEITE**

Dissertação de Mestrado do Curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, para obtenção do Título de Mestre em Ciências Biológicas na área de Genética e Biotecnologia.

Orientador: Rui da Silva Verneque

Co-orientadora: Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto

Juiz de Fora – MG

2008

POGGIAN, C.F. Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para produção de leite. Juiz de Fora (MG), 2008. 58 f. Dissertação de Mestrado (Curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora.

CECÍLIA FONSECA POGGIAN

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ENDOGAMIA NA POPULAÇÃO GUZERÁ SOB
SELEÇÃO PARA PRODUÇÃO DE LEITE**

Dissertação de Mestrado do Curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Juiz de Fora, para obtenção do Título de Mestre em Ciências Biológicas na área de Genética e Biotecnologia.

Aprovada em 26 de fevereiro de 2008

Dr. Lyderson Facio Viccini
UFJF

Dra. Maria Gabriela C. D. Peixoto
Embrapa - Gado de Leite

Dr. Rui da Silva Verneque
UFJF / Embrapa – Gado de Leite

À minha mãe, com amor e gratidão.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e pela coragem de cada dia.

À minha família, pelo apoio e incentivo.

Aos meus amigos, por tudo.

À Universidade Federal de Juiz de Fora, pela formação profissional e humana.

À Embrapa Gado de Leite, pela disponibilização da estrutura necessária ao desenvolvimento deste trabalho.

À Universidade Federal de Juiz de Fora, ao CNPq e à Fapemig pelo apoio financeiro.

Aos estagiários da Embrapa, que me auxiliaram muitas vezes na execução do trabalho.

Aos criadores de Guzerá, pela disponibilização das informações genealógicas, produtivas e reprodutivas dos animais.

À doutora Vânia Maldini Penna, pelo apoio imprescindível na avaliação dos dados.

Ao professor Rui da Silva Verneque, pela confiança, pela amizade, pelas novas amizades, pelo carinho, pelos ensinamentos.

Ao professor Lyderson Facio Viccini, pelo apoio e auxílio.

À doutora Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto, pela amizade, tantos ensinamentos e auxílio constantes.

Ao doutor Roberto Luiz Teodoro, pela amizade, os conselhos preciosos, o bom humor e o incentivo.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

RESUMO

Os animais da raça Guzera, bem adaptados às condições tropicais do Brasil, têm sido utilizados para produção de leite e carne. Em função da redução do tamanho efetivo da população, a probabilidade de endogamia e deriva genética na raça tem aumentado. Em 1994, iniciou-se o Programa Nacional de Melhoramento da Raça para leite por meio do teste de progênie e do núcleo MOET de seleção. O sucesso deste programa pode ser comprometido pelo aumento do coeficiente de endogamia (F) e perda de diversidade genética na raça, pois os animais de maior valor genético são mais utilizados para reprodução. O objetivo deste trabalho foi examinar a diversidade genética da população Guzera selecionada para leite no Brasil, calcular a endogamia na raça e avaliar seus efeitos sobre características produtivas e reprodutivas, visando monitorar a variabilidade genética e orientar acasalamentos. Dados genealógicos de 10.051 animais nascidos até 2007 foram usados para estimação dos parâmetros populacionais. O coeficiente médio de endogamia dos animais endogâmicos foi 0,025, e o aumento esperado da endogamia, devido à contribuição não balanceada dos fundadores, foi 0,16%. O coeficiente de relação médio entre os indivíduos da população foi estimado em 1,06%, e o intervalo de gerações, em 7,48 anos. A média do tamanho efetivo populacional por geração foi 77, o número efetivo de fundadores, 318, o número efetivo de ancestrais, 101, e o efeito gargalo, 3,15. Dos 2.106 ancestrais, 47 foram responsáveis por 50% da diversidade genética da população referência. As características produção total de leite, produção de leite aos 305 dias de lactação, produção total de gordura, produção total de proteína e idade ao primeiro parto foram afetadas negativamente ($p < 0,05$) pelo aumento do coeficiente de endogamia. Os valores médios de F, até o momento, são baixos, porém, o reduzido tamanho efetivo da população indica riscos de endogamia e perda de variabilidade genética na raça Guzera selecionada para leite no Brasil.

Palavras-chave: Zebu, tamanho efetivo populacional, parentesco, variabilidade genética.

ABSTRACT

Animals of the Guzerat breed have strongly fitted to tropical conditions of Brazil, and have been used for milk and beef production. The probability of inbreeding and genetic drift increases due to reduction in the effective population size. In 1994, a selection program for milk production traits was initiated in some purebred herds, using progeny test and MOET nucleus. Its success, otherwise, can be endangered by increase in inbreeding coefficient (F) and loss of genetic diversity, since animals with high genetic value have more chance to reproduce. This study was undertaken to evaluate the evolution and the current genetic status of the Guzerat cattle under milk selection, aiming to monitor the genetic variability and guide matings. Genealogical data of 10,051 animals born until 2007 were used to estimate population parameters. The average F for all inbred animals included in this data set was 0.025 and the increase of inbreeding by unbalancing of founders contribution was 0.16%. The average relationship coefficient was 1.06% and the generation interval was 7.48 years. The mean effective population size by generation was 77, the effective number of founders and effective number of ancestors for the reference population were, respectively, 318 and 101. The bottleneck effect was 3.15. Of 2,106 ancestors, 47 contributed to 50% of the reference population. Total milk production, milk production at 305 days of lactation, total fat production, total protein production and age at first calving was negatively affected ($p < 0.05$) by the increase in F. Average F values and regression coefficients are still low, but the reduced effective population parameters indicates risk of inbreeding, genetic drift and, consequently, loss of variability in the Guzerat breed under milk selection in Brazil.

Keywords: Zebu cattle, effective population size, relationship, genetic variability.

LISTA DE FIGURAS E TABELAS

Figura 1	Número de machos e de fêmeas por período	Página 33
Figura 2	Número de pais e de mães conhecidos e desconhecidos por período	Página 34
Tabela 1	Número (N) e percentual (%) de indivíduos, coeficiente médio de endogamia (F) e respectivos desvios-padrão (DP), e valores mínimo e máximo de F, em cada classe de F	Página 35
Figura 3	Tendência do coeficiente médio de endogamia (F) por período	Página 36
Tabela 2	Número de indivíduos (N), coeficiente médio de endogamia (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (NF), coeficiente médio de parentesco (CP) e tamanho efetivo da população (N_e) pelo número de gerações completas traçadas	Página 37
Tabela 3	Número (N) de indivíduos, machos (♂) e fêmeas (♀) nascidos a cada geração e porcentagem (%) correspondente de cada sexo	Página 38
Tabela 4	Número médio de gerações, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) para os tipos de geração	Página 39
Tabela 5	Via de transmissão genética, número de indivíduos (N), desvio-padrão (DP) e erro-padrão (EP) da média do intervalo de gerações e da idade dos pais ao nascimento da progênie	Página 40
Tabela 6	Número de vacas (N), médias e respectivos desvios-padrão (DP), e valores mínimo e máximo das características avaliadas considerando-se apenas o primeiro parto	Página 43
Tabela 7	Médias (\bar{X}), desvios-padrão ($\pm DP$) e número de observações (N) das características produtivas e reprodutivas de acordo com a classe de coeficiente de endogamia (F)	Página 44
Tabela 8	Resumo da análise de variância da produção total de leite	Página 45

Tabela 9	Resumo da análise de variância da produção de leite aos 305 dias de lactação	Página 46
Tabela 10	Resumo da análise de variância da duração da lactação	Página 46
Tabela 11	Resumo da análise de variância da produção de gordura	Página 47
Tabela 12	Resumo da análise de variância da produção de proteína	Página 47
Tabela 13	Resumo da análise de variância da idade ao primeiro parto	Página 47
Figura 4	Média da produção total de leite por classe de endogamia	Página 49
Figura 5	Média da produção de leite até 305 dias de lactação por classe de endogamia	Página 49
Figura 6	Média da produção total de gordura ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia	Página 50
Figura 7	Média da produção total de proteína ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia	Página 50
Figura 8	Média da idade ao primeiro parto ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia	Página 51

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CP.....	Coeficiente médio de parentesco
DLAC.....	Duração da lactação
DP.....	Desvio-padrão
F.....	Coeficiente de endogamia
f_e	Numero efetivo de fundadores
f_a	Numero efetivo de ancestrais
ΔF	Taxa de endogamia
IG.....	Intervalo de gerações
IPP	Idade ao primeiro parto
LTOT.....	Produção total de leite
L305.....	Produção de leite aos 305 dias de lactação
MOET.....	“Multiple ovulation and embryo transfer” - Núcleo de múltipla ovulação e transferência de embriões
MTDFNRM.....	“Multiple-Trait Derivative-Free Numerator Relationship Matrix” - Parte do sistema MTDFREML que obtém os elementos inversos da matriz de relacionamento dos animais avaliados

MTDFREML.....	“Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood” - Conjunto de programas usados para estimar componentes de variância, endogamia e valores genéticos usando o método da máxima verossimilhança restrita
N_e	Tamanho efetivo da população
PGOR	Produção de gordura
PNMGuL.....	Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite
PP.....	Produção de proteína
SAS.....	“Statistical Analysis Software” - Pacote computacional para análises estatísticas
\bar{X}	Média

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1 A raça Guzerá.....	15
2.2 Endogamia e estrutura genética da população	18
2.3 Depressão endogâmica.....	21
3 OBJETIVOS.....	25
4 MATERIAL e MÉTODOS	26
4.1 Estudos da estrutura genética da população.....	27
4.2 Estudos dos efeitos da endogamia.....	30
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
6 CONCLUSÕES.....	52
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	53

1 INTRODUÇÃO

A partir da introdução de raças ibéricas no Brasil pelos colonizadores portugueses, ocorreu o desenvolvimento de diversas raças bovinas que se adaptaram às condições de clima e de criação praticadas no país, originando raças naturalizadas brasileiras, mas de uma produtividade relativamente baixa. O aumento da demanda por alimentos de origem animal no início do século passado, devido principalmente ao crescimento populacional e às consequências da primeira guerra mundial, levou o país a importar raças exóticas para prover estas necessidades prementes. Estas raças exóticas praticamente substituíram as raças existentes, principalmente através de cruzamentos, levando à prevalência de poucas raças no país (SANTIAGO, 1975).

Os primeiros animais da raça Guzerá chegaram ao Brasil por volta de 1870, revelando-se altamente adaptados às várias regiões do país, e dominaram o panorama pecuário até o final da década de 1930 (SANTIAGO, 1986). Originária da Índia, onde é considerada de aptidão mista (trabalho e produção de leite), esta raça destaca-se, no Brasil, por uma notável capacidade de crescimento e ganho de peso, além da produção de leite e resistência a ecto e endoparasitos (CAMPOS, 2006; MELO, 2006).

A aptidão para a produção de carne e leite levou ao interesse pela seleção destas características na raça Guzerá. Esse interesse pode ser exemplificado pela implantação de programas de seleção, como o Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL), iniciado em 1994. Tais programas de seleção, contudo, devem ser muito bem conduzidos, já que a seleção, associada à subdivisão populacional, podem levar a aumento da endogamia.

A endogamia pode reduzir a heterozigosidade e aumentar a frequência de genes deletérios recessivos, diminuindo a viabilidade e o desempenho fenotípico nas características, consequências estas conhecidas como “depressão endogâmica” (FALCONER e MACKAY, 1996).

Os programas de avaliação genética visam promover o melhoramento genético, identificando indivíduos geneticamente superiores para as características

de interesse, comparando e divulgando os melhores reprodutores, o que leva ao seu uso intensivo em escala nacional, por meio de técnicas reprodutivas (MELO, 2006). De acordo com a literatura (FARIA, 2002), existe uma tendência de aumento do coeficiente de endogamia com o avançar das gerações, principalmente considerando-se raças que apresentam baixo efetivo populacional.

Este trabalho tem como objetivo principal analisar a variabilidade genética da população Guzerá selecionada para leite no Brasil, calculando o tamanho efetivo, o coeficiente médio de parentesco entre os indivíduos, o número de fundadores e de ancestrais, o efeito gargalo, o intervalo de gerações, os níveis e a taxa de endogamia da população. Além disso, objetivou-se avaliar o efeito da endogamia sobre a produção total de leite, gordura e proteína, produção de leite aos 305 dias de lactação, duração da lactação, e sobre a idade ao primeiro parto em vacas da raça Guzerá.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A RAÇA GUZERÁ

Os primeiros bovinos introduzidos no Brasil pelos colonizadores portugueses eram provenientes da Península Ibérica (*Bos taurus*). As raças trazidas para o nosso país adaptaram-se aos diferentes ambientes, dando origem às raças naturalizadas brasileiras, conhecidas como crioulas ou nativas. A ênfase mundial dada à produtividade, em função da demanda por alimentos de origem animal, fez com que, no século XIX, fossem importadas diversas raças exóticas, as européias (*Bos taurus*) e as zebuínas (*Bos indicus*) (SANTIAGO, 1986).

O processo de cruzamento por absorção desencadeou uma substituição quase total das raças aqui existentes, o que levou à prevalência de poucas raças no Brasil. Dentre estas, é notável a participação de algumas raças zebuínas (SANTIAGO, 1975).

A palavra zebu originou-se na Índia, e é formada pela junção de Zri - que significa santo ou sagrado - com Bhu, simbolizado pela vaca, como uma extensão da influência de Deus. Considera-se que na Índia existam mais de 50 raças zebuínas (BEZERRA, 2007).

Achados arqueológicos constituem uma referência sobre a importância do Zebu para o povo indiano. O selo datado de três a quatro mil anos a.C., encontrado nas ruínas de Mohenjo-Daro, cidade indiana destruída há cerca de cinco mil anos, traz gravada a figura de um animal zebuino (SANTIAGO, 1975).

O primeiro núcleo de animais zebuínos puros no Brasil foi estabelecido por D. Pedro I, em 1826, na Fazenda Real de Santa Cruz, próxima ao Rio de Janeiro. Posteriormente, verificaram-se algumas importações de touros, casais ou pequenos lotes, de 1850 a 1908. As grandes importações de zebuínos coincidem com a Primeira Guerra Mundial, conseqüência direta da valorização da carne, que era exportada. Entre 1914 e 1918, 1.847 reprodutores foram trazidos para o Brasil. Em

1921, após um surto de peste bovina, o governo brasileiro proibiu novas importações, fazendo com que os criadores passassem a se dedicar à seleção e ao melhoramento de seus plantéis (SANTIAGO, 1975).

Em 1930, criadores mineiros receberam uma licença especial do Ministério da Agricultura para trazer da Índia 192 reprodutores das raças Gir, Nelore, Guzerá e Sindi, numa época em que o rebanho zebuino puro estava visivelmente reduzido, constituído de 80 a 90% de animais denominados Indubrasil, resultantes do cruzamento de diversas raças indianas, dentre elas Gir e Guzerá. A chegada de apreciável contingente de animais de raça definida trouxe maior interesse pela criação de gado puro, verificando-se então uma redução do número de adeptos da nova raça que estava se formando no Triângulo Mineiro, a Indubrasil. Estima-se que até o ano de 1963, cerca de 6.262 bovinos, provenientes em sua quase totalidade da Índia, foram trazidos para o Brasil. Comparativamente ao gado europeu, o número de animais zebuínos ainda era reduzido, mas, apesar disso, o Zebu se multiplicou intensamente em nosso país. Prova disso é que o Brasil constitui, depois da Índia, o mais importante centro de criação e seleção das raças zebuínas (SANTIAGO, 1975; SANTIAGO, 1986).

De acordo com a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), predominam no país, cerca de dez raças zebuínas: Gir, Gir mocha, Nelore, Nelore mocha, Indubrasil, Tabapuã, Brahman, Sindi, Cangaian e Guzerá (BEZERRA, 2007).

Os primeiros bovinos da raça Guzerá, trazidos da Índia na década de 1870, surgiam como solução para arrastar carroções e vagões para transporte de café, e também para produzir leite e carne. Com a abolição da escravidão, os cafezais entraram em decadência, levando os fazendeiros a buscar maior proveito do gado, por meio da seleção de características produtivas (CAMPOS, 2006).

O Guzerá corresponde, na Índia, à raça Kankrej, originária da domesticação do *Bos primigenius namadicus* na região semi-árida do Noroeste indiano, conhecida por Guzerat, Guzerate, Guyerati ou Gunjrati. Seu hábitat natural são as terras baixas e semi-baixas situadas, em alguns pontos, abaixo do nível do mar, com precipitação pluvial entre 500 e 650mm/ano, e temperatura variando entre 5° e 50° C, ambiente que influenciou na rusticidade desenvolvida pelos animais. Os animais Guzerá são de grande porte, com pelagem variando do cinza claro ao cinza escuro, sendo que as fêmeas podem ter pelagem mais clara, quase branca. A cabeça é

moderadamente larga e curta, especialmente nos machos, e o pescoço é curto e musculoso. Os chifres, característicos, são muito desenvolvidos, simétricos, de cor escura, e dirigem-se horizontalmente para fora ao sair do crânio, curvando-se para cima em forma de lira ou torquês, voltando-se para dentro e para trás até chegar às pontas. Os olhos são elípticos, de órbitas ligeiramente salientes. As orelhas são de tamanho médio para os zebuínos, relativamente largas, pendentes e de pontas arredondadas (SANTIAGO, 1975).

Na Índia, a raça Guzerá é considerada de aptidão mista, já que as fêmeas se mostram boas produtoras de leite e os machos, aptos à tração e aos trabalhos agrícolas em geral (SANTIAGO, 1975; ABCZ, 2002). Estes animais são capazes de digerir forragens grosseiras com facilidade e, por terem se originado em região de clima semi-árido, são muito tolerantes ao calor. Quando comparados ao gado de origem europeia, sua maior tolerância a parasitos torna-se de extrema importância para a adaptação ao ambiente e diminuição de custos, principalmente com carrapaticidas e vermífugos (ANONYMOUS, 2006; CAMPOS, 2006).

Ao encontrar condições ambientais favoráveis em nosso país, o Guzerá revelou-se altamente adaptado, principalmente às regiões semi-áridas do Brasil, e foi a raça de maior contingente até 1939, com participação muito expressiva no mercado de bovinos nacionais. Entretanto, na década de 40, foi prejudicada pela política de cruzamentos para formação de outras raças, como Indubrasil, Tabapuã e Pitangueiras, causando uma drástica diminuição do plantel de animais puros (SANTIAGO, 1986; ABCZ, 2002; CAMPOS, 2006).

A partir de 1995, houve um aumento do número de registros genealógicos de nascimento (RGN), impulsionado pelo maior interesse dos criadores nas características produtivas da raça e pelo aumento da demanda por produtos orgânicos e de origem animal, elevando a Guzerá ao quarto lugar entre as raças zebuínas em número de registros na ABCZ. As vendas de sêmen também impulsionam o bom desempenho da raça Guzerá. De acordo com a Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA), em 1995 eram comercializadas pouco mais de 22 mil doses de sêmen por ano, enquanto em 2005, foram 100 mil doses (RAMENZONI, 2006).

Atualmente, o Brasil é o maior centro criatório de Guzerá do mundo e um grande fornecedor de material genético da raça para países como Venezuela,

Colômbia, Paraguai, México e Costa Rica. Os maiores plantéis de Guzerá do Brasil estão localizados nos estados de Minas Gerais, São Paulo e na região Nordeste, onde predomina sobre as demais raças pela sua extrema rusticidade (ABCZ, 2002).

A utilização do Guzerá na pecuária de corte é de extrema significância, pois os animais apresentam precocidade, adaptabilidade, bom desempenho ponderal e boa qualidade da carne, a custos baixos. As fêmeas Guzerá, juntamente com fêmeas de outras raças zebuínas com aptidão leiteira, têm-se tornado ideais para produção de leite no sistema orgânico de produção, pois são adaptadas às condições ambientais do país (CAMPOS, 2006).

O crescimento da raça é respaldado pelo intenso processo de seleção genética que vem sendo realizado, apoiado por instituições de pesquisa, como o Programa de Avaliação Genética da Raça Guzerá (PAGRG) para corte, coordenado pela Universidade de São Paulo, e o Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL), executado pela Embrapa Gado de Leite e pelo CBMG - Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá (RAMENZONI, 2006; PEIXOTO et al., 2007).

2.2 ENDOGAMIA E ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO

A endogamia é definida como o acasalamento de indivíduos mais aparentados entre si do que o parentesco médio da população (FALCONER e MACKAY, 1996).

O parentesco médio entre os indivíduos numa população depende do tamanho da população e ficará melhor estimado quando se considerar o maior número possível de ancestrais de um indivíduo. A consequência principal do fato de dois indivíduos terem um ancestral comum é que os dois podem carregar réplicas de um dos alelos presentes no ancestral. Se dois alelos são originados da cópia de um alelo apenas, numa geração anterior, podem ser chamados de “idênticos por descendência”, ou “idênticos”.

A identidade por descendência é a base da mensuração do processo dispersivo, de acordo com o parentesco entre os pares acasalados. Esta medida, chamada coeficiente de endogamia, denotada por F , é a probabilidade de dois alelos, em determinado loco de qualquer região cromossômica em um indivíduo, serem idênticos por descendência (FALCONER e MACKAY, 1996). O valor do coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, maior a probabilidade de acasalamentos de indivíduos aparentados e de acréscimo no coeficiente de endogamia (BREDA et al., 2004).

O tamanho efetivo da população (N_e) é o parâmetro que resume a magnitude da deriva genética e a probabilidade da ocorrência de aumento da endogamia que ocorre numa população. A determinação do N_e de uma população permite examinar sua diversidade genética, cuja quantificação numa população ou espécie é de extrema importância para a genética da conservação (CRANDALL, POSADA e VASCO, 1999). Este parâmetro afeta o comportamento de genes sob seleção, influenciando a variância da resposta à seleção, os limites da seleção e a sobrevivência das populações sob conservação a curto e longo prazo (WANG e CABALLERO, 1999).

Os efeitos da prática da seleção contínua, conjugada à subdivisão populacional, podem resultar em um aumento da probabilidade de acasalamento de indivíduos aparentados, com efeitos indesejáveis sobre os índices produtivos e, principalmente, sobre os índices reprodutivos dos rebanhos. Tudo isso faz com que a raça Guzerá apresente hoje um pequeno tamanho efetivo de população (FARIA, 2002).

As estimativas do tamanho efetivo médio da população indicam o limite superior, inferior e “real” do N_e em populações em que as informações genealógicas são escassas (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005). A contribuição dos fundadores para a geração atual pode ser determinada pela estimativa do número efetivo de fundadores (f_e) (LACY, 1989). O número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) que explica a completa diversidade genética da população pode ser estimado pelo número efetivo de ancestrais (f_a) (BOICHARD, MAIGNEL e VERRIER, 1997).

Elevadas taxas de endogamia em uma população podem ser associadas a uma baixa diversidade genética. No Brasil, Breda et al. (2004), em estudo de

simulação baseado em parâmetros de populações zebuínas, observaram uma tendência crescente do coeficiente de endogamia no decorrer das gerações. Populações de menor tamanho efetivo apresentaram maiores coeficientes de endogamia, em razão da maior probabilidade de acasalamentos entre os indivíduos aparentados nessas populações, em comparação com as de maior tamanho efetivo. Faria (2002) relatou coeficiente médio de endogamia de 0,98% na população de animais da raça Nelore mocho; 1,75% na raça Guzerá; 2,28% na raça Gir e 3,06% na raça Gir mocho. Para o intervalo de gerações na raça Guzerá, foi encontrado valor de 7,92 anos, considerado elevado, visto que seu aumento limita a taxa de ganho genético anual. Em estudos com rebanhos da raça Guzerá, Vieira et al. (2005), Peixoto et al. (2006) e Teodoro et al. (2007) estimaram valores de 5%, 4% e 4%, respectivamente, para o coeficiente médio de endogamia dos indivíduos endogâmicos. Os autores consideraram estes valores dentro de níveis aceitáveis para populações sob seleção. Na raça Gir, Reis Filho (2006) encontrou coeficiente médio de endogamia de 3%, analisando uma população de 27.610 animais.

Os resultados do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite têm induzido ao uso em larga escala de sêmen de reprodutores de diferentes linhagens e elevado mérito genético em vários rebanhos, possibilitando a manutenção de baixos níveis de endogamia. Segundo a ASBIA (2006), as vendas de sêmen cresceram 48% de 2002 a 2006. Por outro lado, a intensa utilização de poucos reprodutores, particularmente após a introdução de novas técnicas reprodutivas, pode resultar em aumento da taxa de endogamia nos rebanhos e redução do N_e da população, com conseqüente risco de depressão endogâmica e perda de diversidade genética (WEIGEL, 2001).

Os modernos programas de seleção identificam com precisão famílias com mérito genético superior, que são intensamente utilizadas para produzir reprodutores a serem pais nas populações comerciais. Aliada aos programas de avaliação genética, a ampla utilização de tecnologias reprodutivas tem levado à multiplicação e difusão de um pequeno número de animais nos rebanhos. Nas populações animais sob seleção, portanto, o nível de endogamia deve ser constantemente monitorado.

2.3 DEPRESSÃO ENDOGÂMICA

O principal efeito genético da endogamia é aumentar a probabilidade de homozigose, às vezes aumentando a frequência de genótipos deletérios recessivos, podendo reduzir o desempenho fenotípico não apenas em características de importância econômica mas, principalmente, em características relacionadas à viabilidade dos animais. Este fenômeno é conhecido como depressão endogâmica, e pode reduzir a lucratividade da atividade produtiva, especialmente em rebanhos sob seleção, pequenos e fechados, uma vez que nestas condições há maior probabilidade de acasalamento de indivíduos aparentados (WEIGEL e LIN, 2000).

Análises bem conduzidas das estimativas de endogamia permitem detectar a depressão endogâmica com precisão (CASSEL, ADAMEC e PEARSON, 2003a). No entanto, genealogias incompletas podem subestimar a endogamia e o parentesco, já que potenciais contribuições dos ancestrais desconhecidos são ignoradas (VAN RADEN, 1992). Do mesmo modo, mudanças no estabelecimento da população-base podem alterar as estimativas do coeficiente de endogamia. Quanto maior o número de gerações ancestrais consideradas, mais precisas serão as estimativas (YOUNG e SEYKORA, 1996). Informações errôneas nas genealogias também afetam de forma imprevisível as estimativas de endogamia (BARON et al., 2002).

A endogamia pode gerar superestimação nas estimativas de acurácia das avaliações genéticas, resultante de se considerarem diversas contribuições de um mesmo ancestral em um animal endogâmico como contribuições de ancestrais independentes. Os efeitos da endogamia das gerações anteriores podem ser reduzidos pela regressão da endogamia no modelo de avaliação genética (WIGGANS, VAN RADEN e ZUURBIER, 1995).

Efeitos da endogamia futura poderiam ser considerados para cada potencial acasalamento ou pelo ajuste dos valores genéticos para a depressão média esperada com acasalamentos aleatórios (VAN RADEN e SMITH, 1999), podendo aumentar a confiabilidade da seleção (WIGGANS, VAN RADEN e ZUURBIER, 1995). O uso de um bom programa computacional de seleção de touro e acasalamentos pode fornecer informações sobre os níveis de endogamia na

geração seguinte, auxiliando nos esforços para manutenção da variação genética da população a longo prazo (WEIGEL e LIN, 2000).

Ao estudarem a endogamia na raça Simental no Brasil, Marques e colaboradores (1998) obtiveram um nível médio de endogamia de 1,56%. Após avaliarem 7.587 animais, os autores não observaram efeitos significativos ($P>0,05$) da endogamia sobre os pesos pré-desmama.

Na raça Guzerá, Oliveira et al. (1999) relataram pequena depressão nos pesos ao nascer e aos 8, 12, 18 e 24 meses, com pouca significância econômica ou biológica. Reis Filho (2006), analisando uma população de 27.610 animais da raça Gir, verificou que as características produtivas (especialmente produção de leite) e reprodutivas (idade ao primeiro parto e intervalo de partos) foram afetadas negativamente pelo aumento do coeficiente de endogamia. O efeito foi mais pronunciado para coeficiente de endogamia superior a 0,10 ou 10%.

Teoricamente, características reprodutivas são as mais afetadas pela depressão endogâmica. De acordo com Thompson e colaboradores (2000a), níveis de endogamia acima de 0,10 associaram-se com maiores idades ao parto. Entretanto, níveis de endogamia considerados baixos a moderados ($<0,07$) associaram-se com menores idades ao parto. Nas raças Jersey e Holandesa, a endogamia não afetou significativamente a característica dias para o primeiro serviço (CASSEL, ADAMEC e PEARSON, 2003b).

Na raça Jersey, THOMPSON et al. (2000b) observaram acréscimo de 1% na endogamia reduziu 21,3 kg de leite e 1,03 kg de gordura por lactação (WIGGANS, VAN RADEN e ZUURBIER, 1995). Thompson et al. (2000b) observaram diminuição de aproximadamente 0,17 kg de leite por dia, equivalente a 52 kg de leite na lactação de 305 dias, com proporcional redução na produção de gordura e proteína, e nenhum efeito para CCS (contagem de células somáticas). Ao estudarem a raça Pardo-Suíça, CASANOVA et al. (1992) encontraram redução de 26 kg na produção de leite, equivalente a 2,4% do desvio-padrão fenotípico, para cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia.

Estimativas de depressão endogâmica para características produtivas na raça Holandesa, nos Estados Unidos, apontaram uma redução na produção de leite por lactação de 35, 55 e 35 kg por aumento percentual do coeficiente de endogamia (F), para os intervalos de F entre 2 e 6, 7 e 10, e acima de 10%, respectivamente

(THOMPSON, EVERETT e HAMMERSCHMIDT, 2000a). Os autores observaram maior depressão na produção diária de leite para animais com idades mais jovens ao parto (20 e 21 meses), indicando que vacas com maior endogamia atingem a maturidade mais lentamente ou apresentam piores condições físicas na fase jovem. Elevados níveis de endogamia geraram também grandes perdas na produção diária em todas as idades e grande efeito deletério no princípio da lactação, o que provavelmente inibiu o pico de produção. As produções diárias de gordura e proteína diminuíram continuamente com o aumento da endogamia.

Ao avaliarem animais da raça Holandesa na Itália, Biffani, Samoré e Canavesi (2002) verificaram diminuição de 21,6 kg na produção de leite, de 0,84 kg na produção de gordura e de 0,66 kg na produção de proteína por lactação de 305 dias e aumento de 0,007 unidades de CCS, para cada 1% de aumento na endogamia.

O uso intensivo de reprodutores geneticamente superiores divulgados pelos programas de avaliação genética pode levar ao aumento do coeficiente de endogamia com o avançar das gerações. Uma tendência crescente da endogamia vem sendo observada em alguns trabalhos, o que nos leva a averiguar como esta poderia se encontrar nos dias atuais, bem como seu reflexo sobre o desempenho produtivo e reprodutivo nas raças sob seleção.

O Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL) é executado pela Embrapa Gado de Leite e pelo Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá (CBMG) desde 1994 (PEIXOTO et al., 2007). A base do PNMGuL é integrar modernas ferramentas do melhoramento animal para imprimir rapidez e confiabilidade à seleção, baseada em três esquemas geradores de informação. O primeiro consiste do trabalho de seleção executado pelos criadores da raça, reunindo informações dos animais produzidos por acasalamentos dirigidos. O segundo, denominado Núcleo de Múltipla Ovulação e Transferência de Embriões (Núcleo MOET, do inglês multiple ovulation and embryo transfer), é uma estratégia de seleção genética na qual famílias de irmãos e irmãs são produzidas por múltipla ovulação e transferência de embriões a partir de touros e vacas com elevado mérito genético para leite e criadas em ambiente comum, com mesmo manejo reprodutivo, alimentar e sanitário. O terceiro esquema baseia-se no desempenho produtivo das filhas de touros em Teste de Progênie, produzidas por acasalamentos aleatórios, a fim de se avaliar o real potencial genético de um touro para a produção de leite

(MELO, 2006; PEIXOTO et al., 2007).

O principal objetivo do PNMGuL é a identificação precisa e precoce de touros geneticamente superiores para leite. Porém, a avaliação genética de animais baseada em informações de família, tanto no núcleo MOET como no teste de progênie, associada à intensa utilização dos melhores animais avaliados pelo programa, podem ocasionar aumento no coeficiente de endogamia, bem como redução na variação genética da população, levando até mesmo à perda de alelos.

Torna-se necessário averiguar se, após a divulgação dos resultados das avaliações genéticas, a utilização maciça dos reprodutores provados aumentou a endogamia na raça Guzerá ou se, por outro lado, a reduziu, já que os selecionadores puderam introduzir nos seus rebanhos sêmen de animais oriundos de outros criatórios, sem preocupações quanto ao risco de um retrocesso no desempenho de seus plantéis, como acontecia até então.

3 OBJETIVOS

Objetivo geral:

- Descrever a estrutura genética da população Guzerá selecionada para leite no Brasil e avaliar o efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de vacas Guzerá.

Objetivos específicos:

- Calcular o tamanho efetivo (N_e) da população Guzerá selecionada para leite no Brasil.
- Estimar o coeficiente médio de parentesco, o número efetivo de fundadores, o número efetivo de ancestrais, o efeito gargalo e o intervalo de gerações na população Guzerá sob seleção para produção de leite no Brasil.
- Estimar o coeficiente médio de endogamia (F) dos rebanhos Guzerá participantes do PNMGuL no Brasil.
- Estimar as taxas de endogamia (ΔF) ao longo das divulgações de resultados do PNMGuL.

4 MATERIAL E MÉTODOS

Foram obtidas informações genealógicas e zootécnicas de animais puros da raça Guzerá pertencentes a rebanhos cadastrados no Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite, localizados em diferentes estados das regiões Centro-Oeste, Nordeste e Sudeste do Brasil. O arquivo completo incluiu dados de 10.051 indivíduos, provenientes de 35 rebanhos, localizados em 11 estados: Bahia, Ceará, Espírito Santo, Goiás, Minas Gerais, Paraíba, Pernambuco, Rio de Janeiro, Rio Grande do Norte, São Paulo e Sergipe.

Os arquivos de genealogia disponíveis foram rigorosamente analisados, mediante os procedimentos disponíveis no pacote computacional para análises estatísticas SAS[®] (Statistical Analysis Software; SAS, 2002) e complementados com os dados ou informações dos ancestrais coletados diretamente com os criadores. Com isso, foi possível corrigir dúvidas, preencher lacunas nas genealogias incompletas, bem como retroceder o máximo possível no número de ancestrais dos animais cadastrados no PNMGuL, a fim de se obterem estimativas mais precisas do coeficiente médio de parentesco e de endogamia (YOUNG e SEYKORA, 1996; CASSEL, ADAMEC e PEARSON, 2003a).

Indivíduos com pais conhecidos e data de nascimento desconhecida tiveram a data de nascimento estimada com base nas datas de nascimento dos pais, irmãos e descendentes, de forma a mantê-los na geração anterior à que nasceu sua progênie e na mesma geração da maioria de seus irmãos.

O arquivo completo de dados genealógicos incluiu registros de 10.051 animais, sendo 1.955 machos e 8.096 fêmeas. O arquivo de dados de produção e reprodução incluiu 2.924 dados de cinco características produtivas e uma característica reprodutiva de vacas Guzerá nascidas de 1940 a 2004. Devido à confiabilidade das informações na primeira lactação, além do maior volume de dados e pouco descarte de animais, neste estudo foram considerados apenas dados desta lactação. Foram analisados 2.924 dados de produção total de leite, produção de leite aos 305 dias de lactação, duração da lactação e idade ao primeiro parto; 1.616 dados de produção de gordura e 1.160 de produção de proteína.

4.1 ESTUDOS DA ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO

Para a condução dos estudos, os números de identificação dos animais foram recodificados e ordenados, de modo que os filhos tivessem sempre número maior que o de seus pais. Posteriormente, foram estimados os coeficientes médio e individuais de endogamia. Para tanto, utilizou-se o programa MTDFNRM (Multiple-Trait Derivative-Free Numerator Relationship Matrix), componente do sistema MTDFREML (Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood) (BOLDMAN, KRIESE e VAN VLECK, 1995).

Os dados genealógicos dos animais foram analisados utilizando-se o software livre ENDOG v 4.0 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005) com o objetivo de estimar os parâmetros populacionais baseados na probabilidade de origem gênica. O arquivo utilizado nestas análises incluiu dados de 10.051 animais, com datas de nascimento entre 1940 e 2007 ou data de nascimento desconhecida. Indivíduos com um ou ambos os pais desconhecidos foram incluídos na população base; indivíduos com pais conhecidos formaram a população referência.

O coeficiente médio de parentesco foi calculado utilizando-se o algoritmo proposto por Gutiérrez e Goyache (2005), disponível no programa computacional livre ENDOG V. 4.0, por meio da fórmula:

$$c' = \left(\frac{1}{n}\right) 1' A$$

em que cada elemento do vetor c' corresponde ao coeficiente médio de parentesco de cada indivíduo; A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM) (HENDERSON, 1976), de tamanho $n \times n$, e 1 , um vetor de ordem $1 \times n$, sendo n o número de animais. A matriz A foi obtida por meio da fórmula:

$$A = \left(I - \frac{1}{2}P\right)^{-1} D \left(I - \frac{1}{2}P'\right)^{-1}$$

em que P é uma matriz com elementos p_{ij} , assumindo valor igual a 1, se j é pai de i , e 0, caso contrário (QUAAS, 1976), e D é uma matriz com os elementos da diagonal não-nulos, os quais são obtidos por:

$$d_{ii} = 1, \text{ se nenhum dos pais é conhecido;}$$

$d_{ii} = 3/4$, se um dos pais é conhecido; e

$d_{ii} = 1/2$, se ambos os pais são conhecidos.

Os coeficientes individuais de endogamia (F) foram estimados utilizando-se o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992), por meio do programa computacional livre ENDOG V. 4.0. O algoritmo calcula F, de acordo com Wright (1923), pela seguinte fórmula:

$$F_X = \frac{1}{2} \sum \left(\frac{1}{2} \right)^n (1 + F_A)$$

em que:

F_X = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

n = número de gerações intercaladas que ligam os dois pais ao ancestral comum;

F_A = coeficiente de endogamia de cada ancestral comum.

Após a obtenção de F, foi estimada a tendência da taxa de endogamia (ΔF) para a raça Guzerá com base nos anos de nascimento, considerando-se apenas animais com datas de nascimento conhecidas, o que incluiu animais com nascimentos anteriores e posteriores à liberação dos resultados do PNMGuL. O programa ENDOG V. 4.0 calcula a taxa de endogamia conforme apresentado por Falconer e Mackay (1996), utilizando a seguinte fórmula:

$$\frac{\Delta F = (F_t - F_{t-1})}{(1 - F_{t-1})}$$

em que:

ΔF = taxa de endogamia;

F_t e F_{t-1} = coeficiente de endogamia na geração t e t-1, ou seja, geração anterior.

Por meio do ENDOG também foram calculados o intervalo de gerações, a coancestralidade média da população (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005), o número efetivo de fundadores (f_e) (LACY, 1989) e o número efetivo de ancestrais (f_a) (BOICHARD, Maignel e VERRIER, 1997). O intervalo de gerações foi calculado, pela média harmônica, como a idade média dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução na população estudada e nas vias paternas e maternas de

transmissão genética. O f_e e o f_a foram estimados com as respectivas finalidades de determinar a contribuição dos fundadores para a geração atual e o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) que explica a completa diversidade genética da população.

Todos os parâmetros descritos anteriormente foram calculados para as quatro vias de transmissão genética (pai-filho; pai-filha; mãe-filho e mãe-filha). Avaliou-se também a tendência da endogamia em função da geração dos indivíduos, considerando-se a sobreposição de gerações em bovinos, utilizando-se, para tanto, o procedimento PROC REG (SAS, 2002). O coeficiente de geração, proposto por Brinks, Clark e Rice (1961), correspondente ao número médio de segregações mendelianas a partir dos animais fundadores. Foi calculado utilizando-se o programa GERAÇÃO (VERNEQUE, 2005 – comunicação pessoal), por meio da fórmula:

$$CGI = \frac{CGP + CGM + 2}{2}$$

em que:

CGI = coeficiente de geração do indivíduo;

CGP = coeficiente de geração do pai;

CGM = coeficiente de geração da mãe.

Neste cálculo, os animais importados foram considerados como animais fundadores, assim como os animais de genealogia desconhecida incorporados ao rebanho, incluindo-se no modelo o efeito fixo de classes de geração, conforme Queiroz et al. (1993).

O tamanho efetivo da população (N_e) foi estimado por meio da variação dos coeficientes atuais de endogamia entre gerações, conforme Falconer e Mackay (1996), em que:

$$N_e = \left(\frac{1}{2}\right)\Delta F$$

Para este cálculo, foi utilizado o software livre ENDOG V. 4.0. Utilizando este programa, também foram calculadas três variantes para o N_e , com base no coeficiente de regressão: 1) o número de gerações completas, definido como a geração mais distante em que os ancestrais são conhecidos; 2) o número máximo de gerações traçadas, definido como o número de gerações que separam o

indivíduo de seu ancestral mais remoto e 3) o número equivalente de gerações completas, que é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel, Boichard e Verrier, 1996).

Para a análise de regressão da tendência dos coeficientes de endogamia, indivíduos da primeira geração, calculada conforme Brinks, Clark e Rice (1961), que estavam com data de nascimento desconhecida, tiveram a data de nascimento assumida como 1 de janeiro de 1940 (1/1/1940). Para os indivíduos da segunda geração que se encontravam nas mesmas condições, foi assumida a data de 1 de janeiro de 1950 (1/1/1950). Os demais indivíduos sem data de nascimento foram excluídos do banco de dados para não prejudicar as estimativas dos coeficientes por ano e geração, tendo sido avaliado um total de 8.990 indivíduos.

4.2 ESTUDOS DOS EFEITOS DA ENDOGAMIA

Os efeitos da endogamia sobre as características produtivas (produção total de leite - LTOT, produção de leite aos 305 dias de lactação - L305, produção de gordura - PGOR e produção de proteína - PROT) e reprodutiva (idade ao primeiro parto - IPP) foram avaliados por meio de análise de variância, utilizando-se o procedimento PROC GLM disponível no pacote SAS[®] (SAS, 2002). No modelo de análise foram incluídos os efeitos fixos de rebanho-ano do parto e época do parto. O coeficiente de endogamia e a idade ao primeiro parto foram incluídos no modelo como covariáveis, nos termos linear e quadrático.

Para conferir maior consistência às análises, mantiveram-se apenas classes de rebanho-ano com no mínimo dois registros para todas as características.

O modelo geral utilizado para o estudo do efeito da endogamia sobre as características produtivas foi:

$$y_{hij} = \mu + A_h + E_i + b_1(x_{hij} - \bar{X}) + b_2(x_{hij} - \bar{X})^2 + b_3(x_{hij} - \bar{X}) + b_4(x_{hij} - \bar{X})^2 + e_{hij},$$

em que:

y_{hij} = valor observado para a característica produtiva j sob estudo;

μ = constante inerente a todas as observações;

A_h = efeito da classe de rebanho-ano do parto h ;

E_i = efeito da época do parto i ;

b_1 = coeficiente de regressão do termo linear da idade ao parto sobre a característica estudada;

b_2 = coeficiente de regressão do termo quadrático da idade ao parto sobre a característica estudada;

b_3 = coeficiente de regressão do termo linear da endogamia sobre a característica estudada;

b_4 = coeficiente de regressão do termo quadrático da endogamia sobre a característica estudada; e

e_{hij} = resíduo.

A característica reprodutiva idade ao primeiro parto foi analisada utilizando-se o seguinte modelo:

$$y_{hij} = \mu + A_h + E_i + b_1(x_{hij} - \bar{X}) + b_2(x_{hij} - \bar{X})^2 + e_{hij},$$

em que:

y_{hij} = valor observado para a idade ao primeiro parto da vaca j ;

μ = constante inerente a todas as observações;

A_h = efeito da classe de rebanho-ano do parto h ;

E_i = efeito da época do parto i ;

b_1 = coeficiente de regressão do termo linear da endogamia sobre a idade ao primeiro parto;

b_2 = coeficiente de regressão do termo quadrático da endogamia sobre a idade ao primeiro parto; e

e_{hij} = resíduo.

O efeito classificatório da endogamia foi incluído no modelo de análise quando não foi verificada a significância dos efeitos dos termos linear e quadrático sobre a característica em estudo.

Para as características sob efeito significativo da classe de endogamia ($p < 0,05$), foi realizada análise de regressão da característica corrigida para os

demais efeitos incluídos no modelo, em função dos efeitos linear e quadrático da média do coeficiente de endogamia de cada classe, ponderado pelo número de observações.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A matriz de parentesco completa incluiu 10.051 animais, sendo 1.955 machos e 8.096 fêmeas. Nas Figuras 1 e 2 são apresentadas, respectivamente, a distribuição de machos e fêmeas e de pais e mães conhecidos e desconhecidos, a cada período de 10 anos, com exceção do último período.

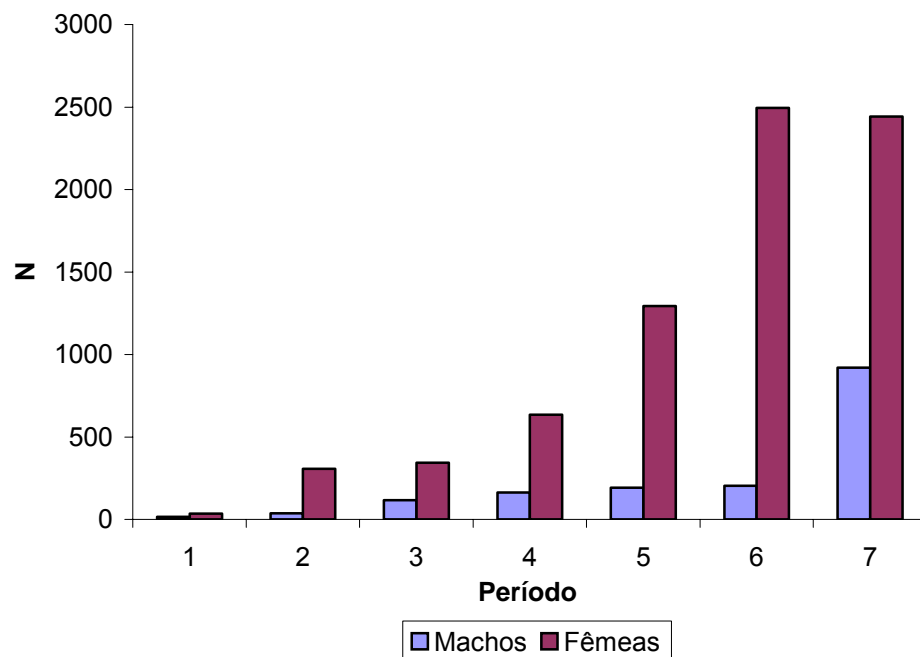


Figura 1. Número de machos e de fêmeas por período.

Períodos 1=1940-1949; 2=1950-1959; 3=1960-1969; 4=1970-1979; 5=1980-1989; 6=1990-1999 e 7=2000-2007.

Do total de 9.200 indivíduos apresentados na Figura 1, 1.649 são machos e 7.551, fêmeas. Inicialmente, observou-se um maior aumento do número de fêmeas do que de machos registrados. A partir de 1990, verificou-se uma estabilização do número de fêmeas e, a partir de 2000, um crescimento do número de machos registrados, atribuído à introdução de novos reprodutores nos rebanhos, relacionada à liberação dos resultados da avaliação genética da primeira bateria de touros.

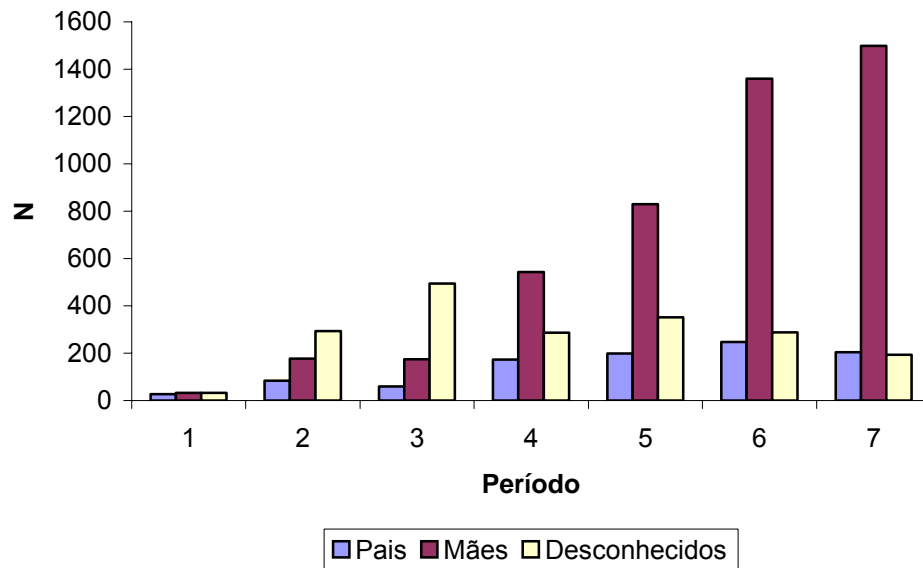


Figura 2. Número de pais e de mães conhecidos e desconhecidos por período.

Períodos 1=1940-1949; 2=1950-1959; 3=1960-1969; 4=1970-1979; 5=1980-1989; 6=1990-1999 e 7=2000-2007.

Segundo informações apresentadas na Figura 2, dos 7.548 indivíduos analisados, 993 são pais conhecidos, 4.616 são mães conhecidas e 1.939 são pais e mães desconhecidos. Verificou-se aumento do número de pais e mães conhecidos, e concomitante tendência à diminuição do número de pais e mães desconhecidos. Estes resultados indicaram, além do aumento no número de animais Guzerá registrados, uma melhor organização dos dados genealógicos da raça. O aumento do número de mães foi evidente e conduziu a uma redução na razão de sexos ou no número de reprodutores por vacas.

Os coeficientes médios de endogamia (F) calculados para o conjunto completo de indivíduos, para machos e para fêmeas, foram, respectivamente, 0,0088; 0,0089 e 0,0087. Os valores máximos encontrados para F foram 0,313 e 0,317, para machos e fêmeas, respectivamente. Para os 3.471 indivíduos endogâmicos, o F médio foi igual a 0,025. Os valores de F médio geral e individual encontrados na população estudada ainda podem ser considerados baixos, refletindo baixa ocorrência de acasalamentos entre parentes. O coeficiente médio de parentesco (CP) entre os indivíduos da população foi estimado em 1,06%. Na raça Gir, Reis Filho (2006) encontrou CP igual a 2,10% numa população de 27.610

animais, valor que foi considerado baixo. Neste estudo, o valor de CP indica um baixo grau de parentesco entre os indivíduos, o que aumenta a chance de reprodução entre indivíduos não aparentados ou pouco aparentados (GUTIÉRREZ et al., 2003).

Os 10.051 indivíduos do arquivo foram agrupados em 14 classes de endogamia, segundo o coeficiente de endogamia individual apresentado. A distribuição dos dados nas diferentes classes é apresentada na Tabela 1, onde também são apresentados o número e percentual correspondente de indivíduos em cada classe, bem como seus respectivos coeficientes médios de endogamia, desvios-padrão e valores mínimo e máximo de F.

Tabela 1. Número (N) e percentual (%) de indivíduos, coeficiente médio de endogamia (F) e respectivos desvios-padrão (DP), e valores mínimo e máximo de F, em cada classe de F

Classe de F	N	%	F \pm Desvio-Padrão	Mínimo	Máximo
0 (F=0)	6922	68.87	0 \pm 0	0	0
1 (0<F \leq 0,01)	1553	15.45	0.0040 \pm 0.0028	0.0010	0.0100
2 (0,01<F \leq 0,02)	459	4.57	0.0155 \pm 0.0029	0.0110	0.0200
3 (0,02<F \leq 0,03)	188	1.87	0.0245 \pm 0.0025	0.0210	0.0300
4 (0,03<F \leq 0,04)	261	2.60	0.0344 \pm 0.0029	0.0310	0.0400
5 (0,04<F \leq 0,05)	102	1.01	0.0452 \pm 0.0027	0.0410	0.0500
6 (0,05<F \leq 0,06)	73	0.73	0.0552 \pm 0.0026	0.0510	0.0600
7 (0,06<F \leq 0,07)	150	1.49	0.0648 \pm 0.0027	0.0610	0.0700
8 (0,07<F \leq 0,08)	58	0.58	0.0759 \pm 0.0029	0.0710	0.0800
9 (0,08<F \leq 0,09)	49	0.49	0.0833 \pm 0.0022	0.0810	0.0900
10 (0,09<F \leq 0,10)	21	0.21	0.0949 \pm 0.0021	0.0910	0.1000
11 (0,10<F \leq 0,11)	16	0.16	0.1052 \pm 0.0027	0.1010	0.1090
12 (0,11<F \leq 0,12)	10	0.10	0.1156 \pm 0.0014	0.1130	0.1170
13 (F>0,12)	189	1.88	0.1561 \pm 0.0500	0.1210	0.3170

Conforme observado na Tabela 1, a maioria dos indivíduos encontra-se na classe 0, com F igual a 0, seguida pela classe 1, onde se encontram indivíduos com F médio maior que 0 e menor ou igual a 0,01. Tais resultados permitem concluir que na população Guzerá avaliada a frequência de indivíduos com valores elevados de F é baixa.

Na Figura 3 é apresentada a tendência de F a cada período de 10 anos.

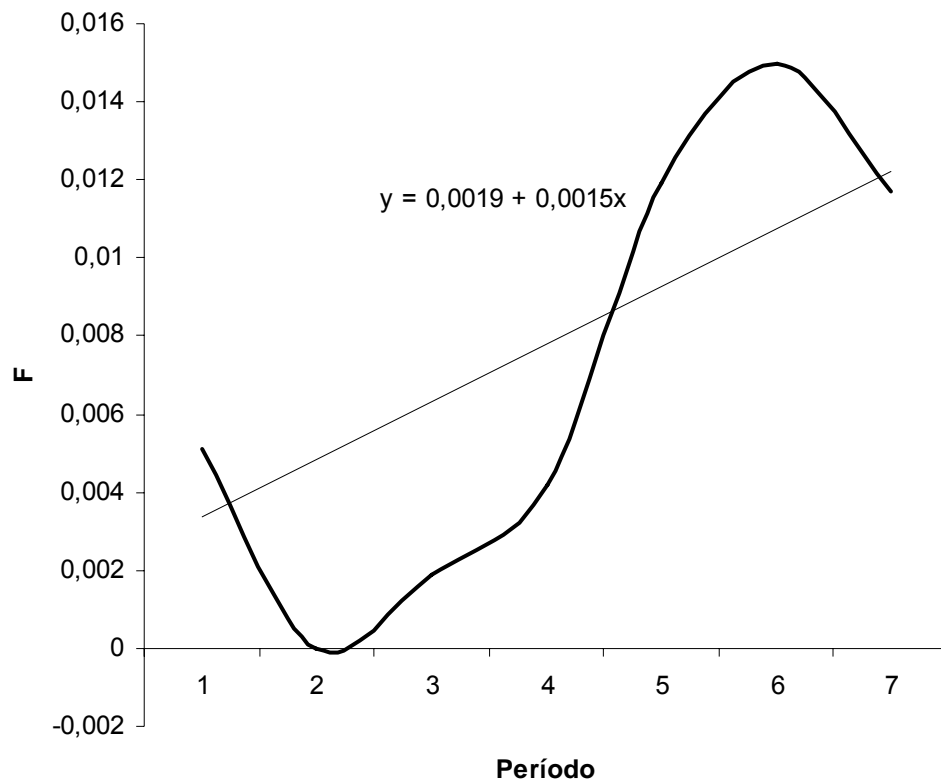


Figura 3. Tendência do coeficiente médio de endogamia (F) por período.

Períodos 1=1940-1949; 2=1950-1959; 3=1960-1969; 4=1970-1979; 5=1980-1989; 6=1990-1999 e 7=2000-2007.

Conforme a Figura 3, verificou-se uma tendência de aumento do coeficiente de endogamia no decorrer dos períodos considerados. A partir do período 6, que coincide com a década de início do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite, verificou-se uma diminuição de F, que pode ser considerada resultado de um maior controle de acasalamentos e maior disseminação de sêmen de touros de outras linhagens avaliados no PNMGuL, iniciado em 1994.

Os valores do tamanho efetivo da população, coeficiente médio de endogamia e coeficiente médio de parentesco calculados para cada geração encontram-se na Tabela 2. Observou-se que F, CP e a porcentagem de indivíduos endogâmicos aumentaram no decorrer das gerações em consequência do pequeno tamanho efetivo da população e, também, do aumento na ocorrência de acasalamentos entre indivíduos aparentados. O pequeno N_e pode ser associado à baixa razão entre os sexos na população, como pôde ser verificado na Figura 2. O aumento dos acasalamentos entre indivíduos aparentados pode estar relacionado ao uso dos mesmos touros em diversos rebanhos, facilitado pela técnica de inseminação artificial, impulsionada no país a partir da década de 1970 (VANZIN, 2007). A oscilação no N_e deveu-se à variação de F ao longo das gerações, uma vez que o N_e , nesse caso, foi calculado a partir da taxa de endogamia (ΔF). A ausência de um valor calculado para N_e , simbolizada por um traço, deve-se à ausência de informação de endogamia na geração anterior e também ao pequeno N na última geração.

Tabela 2. Número de indivíduos (N), coeficiente médio de endogamia (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (NF), coeficiente médio de parentesco (CP) e tamanho efetivo da população (N_e) pelo número de gerações completas traçadas

Geração	N	F (%) ¹	NF (%)	F(%) ²	CP	N_e
0	2495	0.00%	-	-	0.07%	-
1	2803	0.13%	8.03%	1.62%	0.64%	384.1
2	1830	1.16%	50.93%	2.27%	1.44%	48.6
3	1597	1.96%	72.39%	2.71%	1.89%	61.2
4	1138	2.34%	85.41%	2.74%	2.26%	131.2
5	183	2.83%	100.00%	2.83%	2.63%	98
6	5	2.54%	100.00%	2.54%	2.78%	-

¹F para a população; ²F para os indivíduos endogâmicos.

O número de machos e fêmeas nascidos por geração e que se reproduziram encontra-se na Tabela 3. Entre os pais, apenas 62 possuíam 25 ou mais progênes,

o que pode evidenciar uma diminuição no número de touros utilizados a cada geração. Este resultado corrobora o encontrado na Figura 1, onde se observa um reduzido número de machos em relação ao número de fêmeas. A redução do número de indivíduos no decorrer das gerações pode refletir maior vida útil dos animais, que são mantidos em reprodução no rebanho por um longo período de tempo, contribuindo para um aumento no intervalo de gerações. A utilização de poucos touros, além de influenciar no aumento de CP, pode também ser relacionada ao pequeno N_e da população.

Tabela 3. Número (N) de indivíduos, machos (♂) e fêmeas (♀) nascidos a cada geração e porcentagem (%) correspondente de cada sexo

Geração	N	♂	%♂	♀	%♀
0	2495	454	18	2041	82
1	2803	333	12	2470	88
2	1830	428	23	1402	77
3	1597	388	24	1209	76
4	1138	287	25	851	75
5	183	62	34	121	66
6	5	3	60	2	40

Os valores calculados para o tamanho efetivo médio da população pela regressão do coeficiente de endogamia individual no número de diferentes tipos de gerações traçadas são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4. Número médio de gerações, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) para os tipos de geração

Tipos de geração	Média	ΔF (%)	N_e
Completa ¹	1,67	0,65	77,36
Máxima ²	6,88	0,08	600,41
Equivalente ³	2,80	0,38	132,82

¹Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

²Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

³Somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

As estimativas do tamanho efetivo médio da população apresentadas na Tabela 4 (por geração completa, máxima e equivalente) são alternativas da estimativa do N_e cujos cálculos são proporcionados pelo programa ENDOG v. 4.0. Tais estimativas são úteis para indicar o limite superior, inferior e “real” do N_e , respectivamente, em populações em que as informações genealógicas são escassas (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Nestes cálculos, quanto menor o número de ancestrais conhecidos, maior a probabilidade de ser detectado incremento na endogamia, o que justifica o maior valor encontrado para ΔF nas gerações completas. Por outro lado, quanto maior for o número de ancestrais conhecidos, menor será a probabilidade de se encontrarem elevadas taxas de endogamia, corroborando o baixo valor de ΔF encontrado para gerações máximas. Nas gerações equivalentes, os valores encontrados foram intermediários, já que o cálculo considera todos os ancestrais conhecidos, e não somente os conhecidos ou mais remotos. Os valores de N_e oscilam de acordo com a taxa de endogamia, já que este parâmetro é calculado em função de ΔF .

Na população estudada, o número máximo de gerações entre um indivíduo e seu ancestral mais distante foi 21, e o N_e médio calculado por geração foi 77, correspondente ao N_e de uma geração completa. Este valor foi considerado como o valor médio por corresponder à estimativa em que todos os ancestrais são conhecidos, o que a torna mais próxima do real. O valor do N_e médio calculado neste trabalho difere do obtido por Faria (2002), que se manteve em torno de 104 durante os períodos analisados; porém, o autor utilizou dados de todos os animais registrados da raça, independente se explorados para corte ou leite. Os resultados

encontrados neste estudo, segundo os critérios da FAO, que estabelecem os riscos de perda de diversidade genética nas espécies domésticas (FAO, 1981), permitem classificar a raça Guzerá sob seleção para leite como vulnerável.

O intervalo médio de gerações (média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução) e a média de idade dos pais ao nascimento da progênie (mantida ou não para reprodução), bem como o número de observações, desvio-padrão e erro-padrão, podem ser observados na Tabela 5.

Tabela 5. Via de transmissão genética, número de indivíduos (N), desvio-padrão (DP) e erro-padrão (EP) da média do intervalo de gerações e da idade dos pais ao nascimento da progênie

Tipo	Número	Média	Desvio-Padrão	Erro-Padrão
Intervalo de Gerações (anos)				
Pai-filho	340	7,49	5,78	0,31
Pai-filha	1864	7,65	5,57	0,30
Mãe-filho	310	7,22	6,38	0,35
Mãe-filha	1641	7,34	5,42	0,29
Total	4155	7,48	5,60	0,87
Idade dos Pais ao Nascimento da Progênie (anos)				
Pai-filho	1114	8,27	5,78	0,17
Pai-filha	3764	8,10	5,64	0,17
Mãe-filho	1231	7,39	4,81	0,14
Mãe-filha	3681	7,28	4,96	0,15
Total	9790	7,72	5,33	0,05

O intervalo médio de gerações (IG) calculado, de 7,48 anos, está ligeiramente abaixo do encontrado por Faria et al. (2001), de 7,92. Este resultado pode ser explicado pela substituição mais rápida de pais e mães nos rebanhos do programa

de melhoramento do Guzerá para leite, o que permitiria um aumento na taxa de ganho genético por geração. Entretanto, apesar desta pequena diferença, verificou-se que o IG ainda encontra-se elevado, corroborando os resultados apresentados na Tabela 3.

Na via de pais de touros, o intervalo médio de gerações foi de 7,49 anos; pais de vacas, 7,65 anos; mães de touros, 7,22 anos e mães de vacas, 7,34 anos. Apesar das pequenas diferenças do IG verificadas nas quatro vias de transmissão genética, pode-se inferir que a substituição de touros e vacas por seus descendentes ocorreu mais rapidamente na via materna do que na paterna, em função do uso prolongado de touros neste período, fato que pode contribuir para o aumento do coeficiente médio de endogamia da população.

A idade média dos pais ao nascimento dos filhos, calculada em 7,72 anos, pode ser considerada alta, podendo levar também à redução do ganho genético por unidade de tempo. Além disso, a permanência de animais nos rebanhos por um maior período de tempo pode aumentar as chances de acasalamentos entre parentes, podendo levar ao aumento do coeficiente de endogamia. Animais endogâmicos, que têm grande probabilidade de apresentarem problemas reprodutivos, também podem contribuir para os valores elevados da idade média dos pais ao nascimento dos filhos. Espera-se que nos próximos anos a maior disponibilidade de doses de sêmen de touros provados, mais precocemente, pelo esquema de núcleo MOET, bem como o aumento da eficiência reprodutiva nos rebanhos, possam contribuir para a redução no intervalo de gerações.

O número efetivo de fundadores (f_e) foi estimado em 318, e o aumento esperado da endogamia, devido à contribuição não balanceada dos fundadores, foi 0,16%. O número de ancestrais que contribuíram para a população referência foi 2.106 (21,5% de 10.051 animais). Destes, apenas 47 foram responsáveis por 50% da diversidade genética da população. O número efetivo de ancestrais (f_a) foi 101. O pequeno número de fundadores e de indivíduos que contribuem geneticamente para a diversidade da população pode justificar o aumento de F no decorrer das gerações, como verificado neste estudo.

O parâmetro f_a é sempre menor ou igual ao f_e , pois os fundadores aparecem em mais vias de transmissão genética do que os ancestrais. O parâmetro f_a é mais preciso como indicativo do número de germoplasmas que efetivamente contribuem

para a constituição genética da população. Além disso, o risco de superestimação do número efetivo de fundadores (f_e) é particularmente severo em programas de seleção intensivos, quando o germoplasma de um número limitado de animais é amplamente disseminado (BOICHARD, MAIGNEL e VERRIER, 1997).

Neste estudo, foi encontrado o valor de 3,15 para f_e/f_a , que reflete a ocorrência do efeito gargalo (*bottleneck*). Este valor resulta da diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos. A introdução da raça Guzerá no Brasil, bem como a utilização de grande parte do rebanho em cruzamentos para a formação da raça Indubrasil são alguns momentos em que houve efeito gargalo na população. O efeito gargalo encontrado neste estudo pode corresponder a uma diminuição no número de reprodutores devido à seleção para produção de leite. Faria et al. (2004), com dados de todo o efetivo registrado da raça, encontraram valores menores para f_e/f_a , iguais a 1,11 e 1,48, respectivos ao primeiro e último períodos analisados, evidenciando um aumento do efeito gargalo de um período para outro. Os resultados deste trabalho indicaram que na população de Guzerá sob seleção para leite, parte da população da raça Guzerá, o efeito gargalo foi ainda maior, evidenciando o risco de perda de diversidade genética da população. A prática de acasalamentos dirigidos, como tem sido conduzida, por exemplo, no núcleo MOET, pode contribuir para minimizar este efeito. Além disso, uma elevação das taxas de importação e de entrada de animais de corte nos rebanhos leiteiros também poderia auxiliar na redução de F e no aumento de f_a , reduzindo, conseqüentemente, a razão f_e/f_a .

O número de observações, as médias, desvios-padrão e valores mínimo e máximo das características consideradas na avaliação do efeito da endogamia encontram-se na Tabela 6.

Tabela 6. Número de vacas (N), médias e respectivos desvios-padrão (DP), e valores mínimo e máximo das características avaliadas considerando-se apenas o primeiro parto

Característica	N	Média	±DP	Mínimo	Máximo
Produção total de leite (kg)	2924	1958,34	904,38	65,90	7329,20
Produção de leite até 305 dias (kg)	2924	1949,53	841,78	65,90	6256,20
Produção de gordura (kg)	1616	93,11	41,98	6,70	245,70
Produção de proteína (kg)	1160	65,90	27,60	8,70	137,50
Duração da lactação (dias)	2924	268,94	65,25	50,00	491,00
Idade ao primeiro parto (dias)	2924	1278,45	232,60	627,00	1997,00

Na Tabela 7, o número de observações, as médias e os desvios-padrão das características consideradas encontram-se relacionados de acordo com a classe de F.

Tabela 7. Médias (\bar{X}), desvios-padrão (\pm DP) e número de observações (entre parênteses) das características produtivas e reprodutivas de acordo com a classe de coeficiente de endogamia (F)

Classe de F	LTOT	L305	PGOR	PP	DLAC	IPP
0 (F=0)	1915,74 \pm 871,41 (1781)	1908,51 \pm 822,92 (1781)	95,82 \pm 42,48 (879)	66,84 \pm 29,00 (566)	264,33 \pm 66,10 (1781)	1291,47 \pm 233,23 (1781)
1 (0<F \leq 0,01)	1869,01 \pm 777,91 (577)	1903,10 \pm 749,75 (577)	87,94 \pm 38,21 (444)	65,82 \pm 25,69 (398)	270,74 \pm 58,18 (577)	1208,86 \pm 200,52 (577)
2 (0,01<F \leq 0,02)	2195,72 \pm 1285,75 (143)	2159,57 \pm 1119,35 (143)	94,49 \pm 43,78 (102)	66,46 \pm 28,34 (78)	279,50 \pm 61,04 (143)	1262,30 \pm 239,30 (143)
3 (0,02<F \leq 0,03)	2045,43 \pm 995,27 (67)	2024,65 \pm 941,03 (67)	98,08 \pm 47,90 (43)	66,41 \pm 22,28 (20)	264,58 \pm 75,06 (67)	1316,25 \pm 235,79 (67)
4 (0,03<F \leq 0,04)	2260,78 \pm 1023,78 (96)	2143,02 \pm 905,23 (96)	98,72 \pm 47,42 (38)	66,83 \pm 30,03 (27)	300,56 \pm 70,18 (96)	1343,79 \pm 252,54 (96)
5 (0,04<F \leq 0,05)	2164,41 \pm 1104,35 (44)	2064,13 \pm 975,78 (44)	84,84 \pm 47,86 (11)	56,09 \pm 29,72 (7)	277,89 \pm 84,31 (44)	1273,91 \pm 237,67 (44)
6 (0,05<F \leq 0,06)	2010,56 \pm 747,06 (26)	2021,73 \pm 740,66 (26)	89,61 \pm 39,93 (14)	65,09 \pm 19,62 (11)	279,88 \pm 46,17 (26)	1239,92 \pm 208,62 (26)
7 (0,06<F \leq 0,07)	2456,05 \pm 1054,89 (62)	2354,28 \pm 980,37 (62)	95,28 \pm 52,25 (21)	34,64 \pm 11,56 (9)	287,90 \pm 65,46 (62)	1351,47 \pm 268,56 (62)
8 (0,07<F \leq 0,08)	1749,44 \pm 712,85 (18)	1875,94 \pm 683,11 (18)	85,62 \pm 55,39 (12)	53,38 \pm 23,30 (8)	263,06 \pm 57,12 (18)	1295,67 \pm 238,23 (18)
9 (0,08<F \leq 0,09)	2172,51 \pm 968,15 (22)	2158,44 \pm 820,06 (22)	84,19 \pm 39,33 (12)	65,33 \pm 27,88 (9)	279,23 \pm 63,79 (22)	1309,77 \pm 227,75 (22)
10 (0,09<F \leq 0,10)	2044,22 \pm 656,64 (6)	1993,60 \pm 604,22 (6)	109,70 \pm 0 (1)	0 \pm 0 (0)	251,00 \pm 61,77 (6)	1322,50 \pm 125,00 (6)
11 (0,10<F \leq 0,11)	2197,70 \pm 833,41 (5)	2220,90 \pm 884,35 (5)	70,25 \pm 67,39 (2)	22,60 \pm 0 (1)	281,20 \pm 41,79 (5)	1389,80 \pm 199,93 (5)
12 (0,11<F \leq 0,12)	2676,10 \pm 312,84 (7)	2584,46 \pm 299,19 (7)	114,07 \pm 44,69 (3)	0 \pm 0 (0)	318,57 \pm 24,95 (7)	1516,57 \pm 312,96 (7)
13 (F>0,12)	2084,25 \pm 1033,33 (70)	2018,89 \pm 908,77 (70)	81,50 \pm 40,54 (34)	62,89 \pm 26,25 (26)	278,19 \pm 70,97 (70)	1330,60 \pm 263,68 (70)

LTOT=produção total de leite; L305=produção de leite aos 305 dias de lactação; PGOR=produção de gordura; PP=produção de proteína; DLAC=duração da lactação; IPP=idade ao primeiro parto.

Analisando a Tabela 7, verificou-se que as variáveis LTOT, L305, DLAC e IPP mantiveram-se relativamente estáveis, aumentando sua média na classe 12 ($0,11 < F = 0,12$) e diminuindo-a a seguir, na classe 13 ($F > 0,12$). As características PGOR e PP apresentaram oscilações de acordo com as classes de F, mas ainda assim pôde ser verificado um aumento da média de PGOR na classe 12, seguido de uma acentuada diminuição. Para PP, as médias oscilaram entre valores bastante próximos, mas a partir da classe 10 faltaram informações para esta característica, não sendo possível definir uma tendência das médias a partir desta classe. Entretanto, em geral, os resultados observados mostraram que, para valores de F até 0,12 (ou 12%), a maioria das características avaliadas respondeu positivamente ou se manteve estável, mas a partir deste valor, aumentou a probabilidade de efeitos negativos sobre as características produtivas e reprodutivas de interesse dos criadores. Portanto, acasalamentos que possam gerar animais com níveis de endogamia em torno desses são desaconselháveis.

As análises de variância das características estudadas encontram-se nas Tabelas 8 a 13. Para todas as características, o modelo utilizado na análise foi o que apresentou melhor ajuste.

Tabela 8. Resumo da análise de variância da produção total de leite

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	195	5566315	<0,0001*
Época do parto	1	4608301	0,0016*
Idade ao primeiro parto linear	1	4429095	0,0020*
Idade ao primeiro parto quadrático	1	3320055	0,0074*
Classe de endogamia	13	957632	0,0130*
Resíduo	2713	462142	

ns=não significativo ($P > 0,05$); *=significativo ($p < 0,05$).

Tabela 9. Resumo da análise de variância da produção de leite aos 305 dias de lactação

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	195	4647974,9	<0,0001*
Época do parto	1	1765185,7	0,0374*
Idade ao primeiro parto linear	1	5159845,9	0,0004*
Idade ao primeiro parto quadrático	1	3967626,7	0,0018*
Classe de endogamia	13	714568,0	0,0444*
Resíduo	2713	406853	

ns=não significativo ($P>0,05$); *=significativo ($p<0,05$).

Tabela 10. Resumo da análise de variância da duração da lactação

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	195	15357,016	<0,0001*
Época do parto	1	19851,151	0,0152*
Idade ao primeiro parto linear	1	10330,517	0,0797ns
Idade ao primeiro parto quadrático	1	6798,697	0,1552ns
Classe de endogamia	13	5082,488	0,1051ns
Resíduo	2713	3362,47	

ns=não significativo ($P>0,05$); *=significativo ($p<0,05$).

Tabela 11. Resumo da análise de variância da produção de gordura

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	87	13193,041	<0,0001*
Época do parto	1	9179,938	0,0035*
Idade ao primeiro parto linear	1	1021,110	0,3296ns
Idade ao primeiro parto quadrático	1	677,864	0,4270ns
Coeficiente de endogamia	1	6212,503	0,0163*
Resíduo	1524	1073,517	

ns=não significativo ($P>0,05$); *=significativo ($p<0,05$).

Tabela 12. Resumo da análise de variância da produção de proteína

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	41	6542,7150	<0,0001*
Época do parto	1	3482,2133	0,0109*
Idade ao primeiro parto linear	1	610,4300	0,2859ns
Idade ao primeiro parto quadrático	1	271,1502	0,4769ns
Coeficiente de endogamia	1	2623,6666	0,0271*
Resíduo	1114	535,4812	

ns=não significativo ($P>0,05$); *=significativo ($p<0,05$).

Tabela 13. Resumo da análise de variância da idade ao primeiro parto

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio	Pr>F
Rebanho-ano de parto	194	386739,42	<0,0001*
Época do parto	1	171435,17	0,0173*
Coeficiente de endogamia	1	460086,12	<0,0001*
Resíduo	2727	30195,3	

ns=não significativo ($P>0,05$); *=significativo ($p<0,05$).

As variáveis rebanho-ano de parto e época do parto apresentaram efeito significativo ($p < 0,05$) sobre todas as características consideradas no modelo de análise de regressão. O efeito de rebanho-ano de parto pode ser justificado pelo uso de diferentes práticas de manejo em cada rebanho, além da ampla distribuição geográfica dos mesmos. O efeito de época do parto pode estar relacionado às variações climáticas devidas, principalmente, à distribuição geográfica dos rebanhos.

As variáveis IPP linear e quadrática afetaram significativamente ($p < 0,05$) LTOT e L305, mas não apresentaram efeito significativo ($P > 0,05$) sobre as demais características analisadas. Este resultado demonstra que quanto maior foi a idade ao primeiro parto da vaca, menor foi sua produção de leite. É possível que esta demora para o primeiro parto seja consequência da endogamia.

Para LTOT e L305, o efeito de F foi significativo ($p < 0,05$) apenas quando considerado em classes, que por agruparem um maior número de informações, possibilitaram a detecção da significância deste efeito. A classe de F não afetou significativamente ($P > 0,05$) a duração da lactação. Para as características PGOR, PP e IPP, o efeito do termo linear da endogamia não foi significativo ($P > 0,05$). A seleção dos animais Guzerá para as características de produção leiteira pode eliminar indivíduos com F elevado, que poderiam apresentar menores produções, justificando a ausência de efeito significativo de F sobre algumas características. Por outro lado, como existem poucos animais com F elevado na população, é possível que os níveis atuais de endogamia não estejam apresentando efeito significativo sobre algumas características avaliadas.

A característica IPP foi afetada significativamente ($p < 0,05$) por todas as variáveis consideradas no modelo: rebanho-ano de parto, época do parto e F. Valores de IPP elevados podem diminuir o progresso genético anual da população sob seleção, além de prejudicar os rebanhos com o aumento de gastos com manutenção dos animais por um longo tempo.

Nas Figuras 4 e 5 encontram-se as médias de produção total de leite e de produção de leite aos 305 dias de lactação por classe de F. Para as duas características representadas nas figuras, verificou-se uma tendência de diminuição das médias com o aumento da endogamia, considerada em classes.

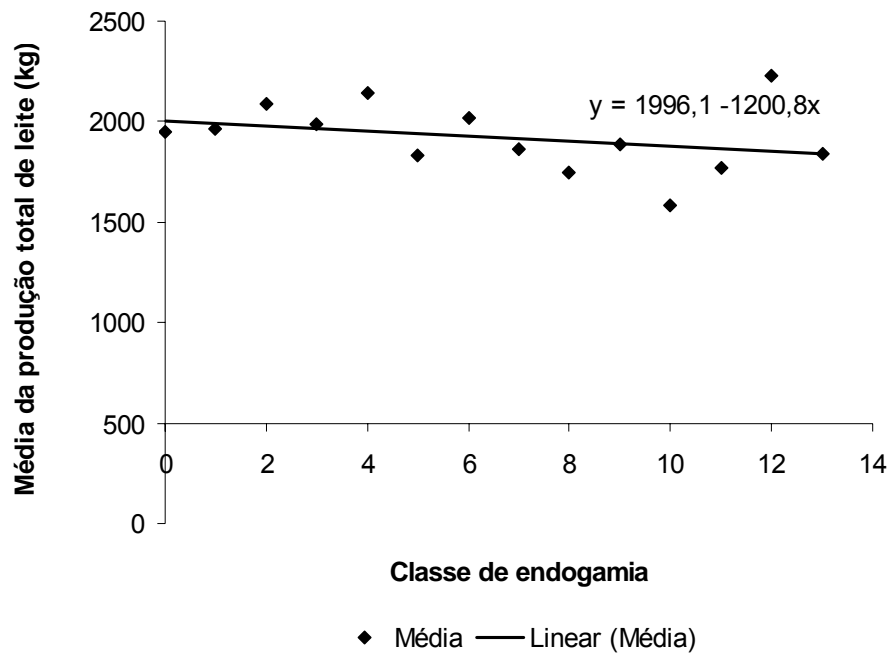


Figura 4. Média da produção total de leite por classe de endogamia.

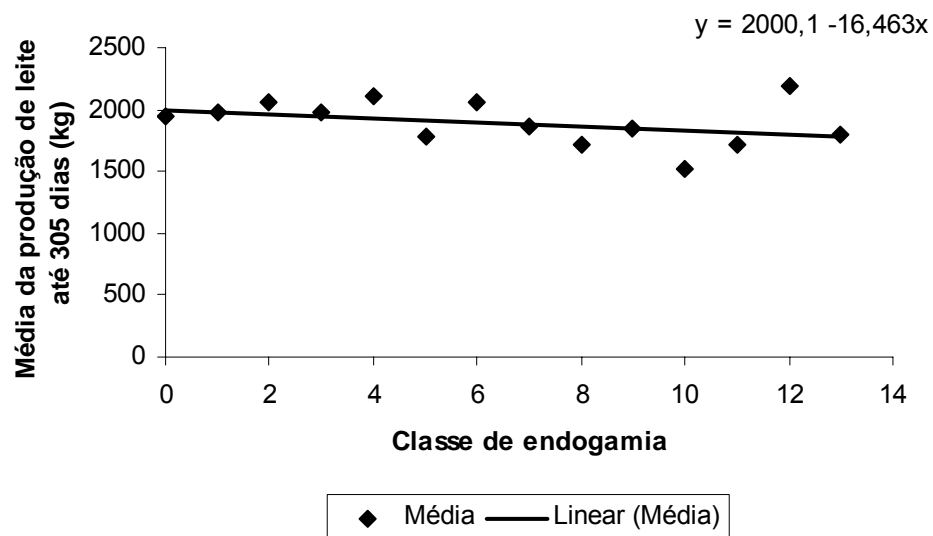


Figura 5. Média da produção de leite aos 305 dias de lactação por classe de endogamia.

As Figuras 6 a 8 apresentam gráficos de regressão de F sobre produção de gordura, produção de proteína e idade ao primeiro parto, após ajuste.

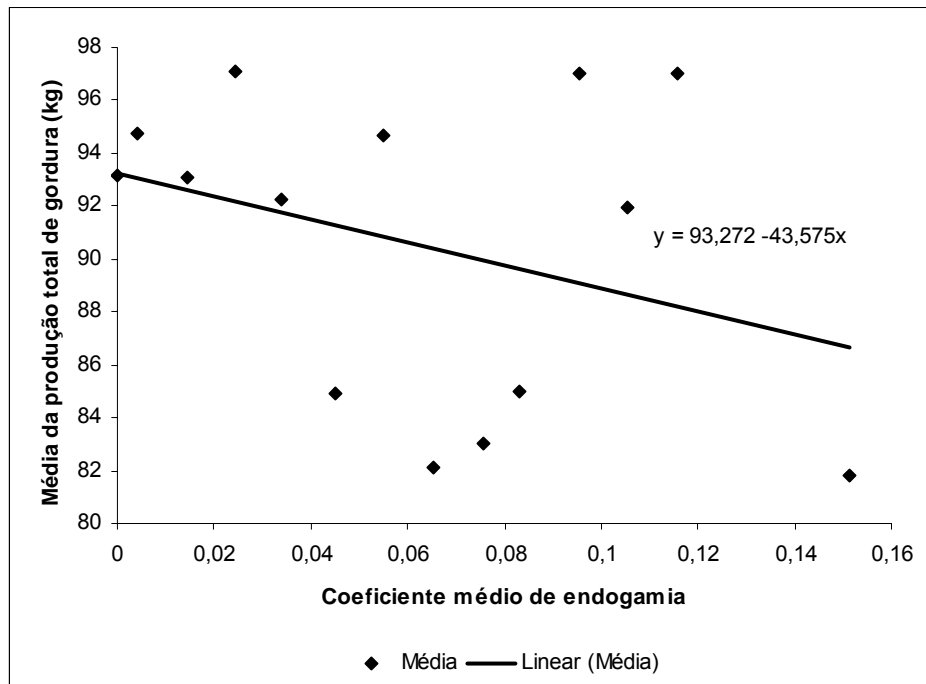


Figura 6. Média da produção total de gordura ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia.

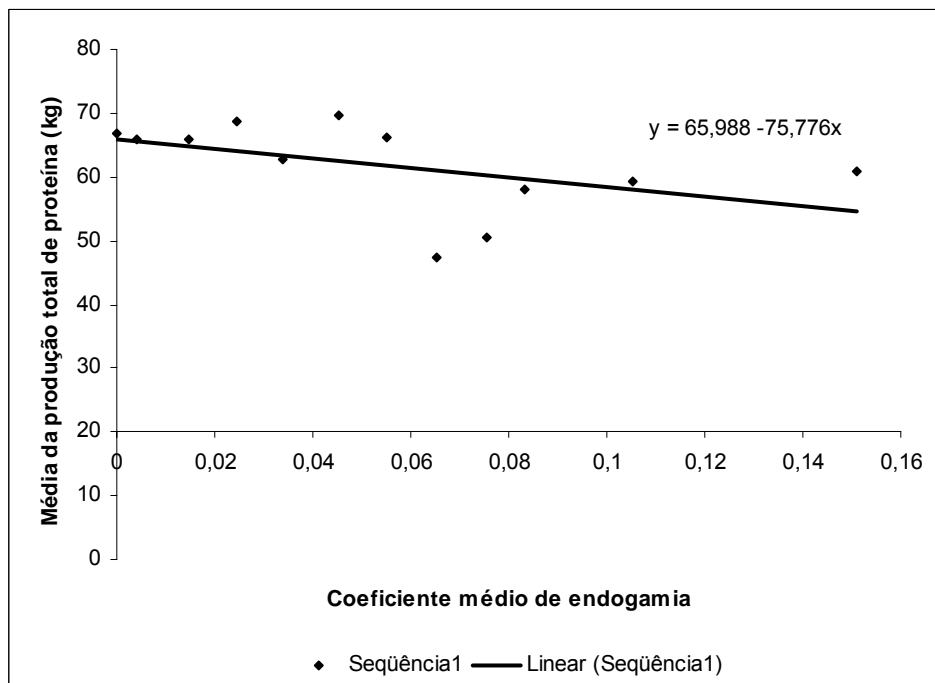


Figura 7. Média da produção total de proteína ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia.

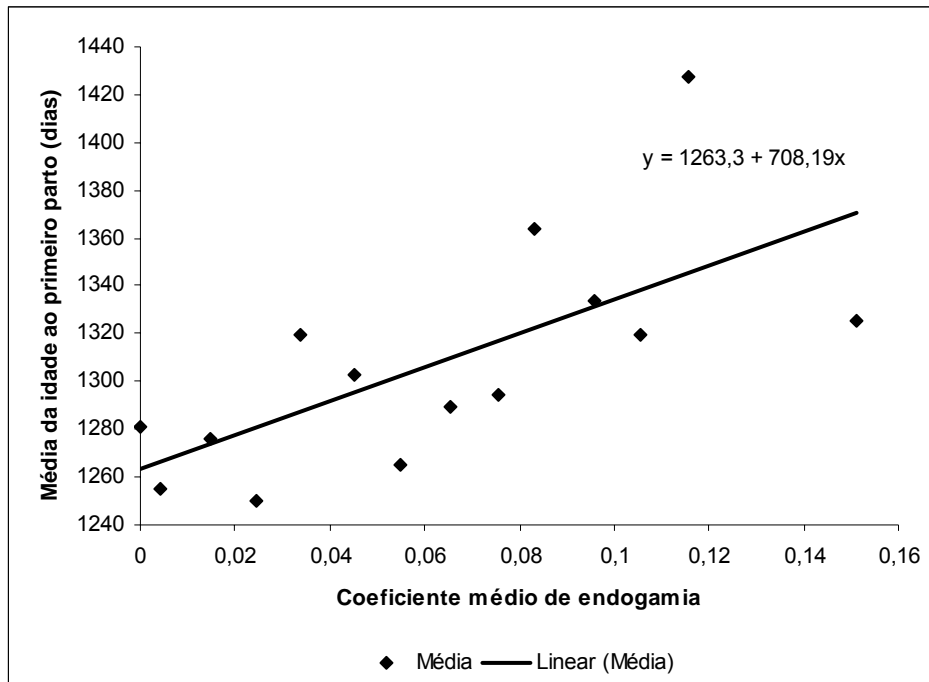


Figura 8. Média da idade ao primeiro parto ajustada e linha de tendência em função do coeficiente médio de endogamia.

O efeito linear de F (considerado em classes) sobre as características apresentadas nas Figuras 6 a 8 evidencia que, no intervalo estudado, o aumento da endogamia corresponde a uma diminuição das médias de produção de gordura e proteína e a um aumento da idade ao primeiro parto. Um incremento na taxa de endogamia pode ser prejudicial, devido à possibilidade de acentuação da depressão endogâmica, já que poderia levar a menores taxas de produção de gordura e proteína e maiores valores para idade ao primeiro parto, conseqüências indesejáveis principalmente sob o aspecto da seleção. Portanto, estes resultados recomendam a prática de orientações técnicas específicas quanto ao planejamento dos acasalamentos, de modo a minimizar a taxa de endogamia e a deriva genética.

6 CONCLUSÕES

Apesar de existirem animais com valores de F elevados, a média de endogamia encontrada na população estudada pode ser considerada baixa.

O tamanho efetivo da população é pequeno; portanto, recomenda-se a prática de acasalamentos dirigidos.

O intervalo de gerações encontra-se elevado, em função do longo período de utilização dos animais para reprodução nos rebanhos.

O efeito gargalo encontra-se acentuado, em decorrência do pequeno número de ancestrais que contribuíram para a fundação da população da raça Guzerá para leite.

Foram verificados efeitos negativos da endogamia sobre as características produção total de leite, produção de leite aos 305 dias de lactação, produção de gordura, produção de proteína e idade ao primeiro parto.

Não se recomenda o acasalamento de indivíduos aparentados, de modo a gerar descendentes com coeficiente de endogamia em torno de 12%, tendo em vista o comprometimento de aspectos produtivos e reprodutivos.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCZ. 2002. **A raça Guzerá**. Revista ABCZ - Ano 2 - Nº9 - Julho - Agosto/2002. Disponível em <http://www.arteeideias.com/site/produtos/revista/09/mat44.php3>, acessado em 18/03/2007.

ANONYMOUS. 2006. **A Ecologia do Guzerá**. Disponível em <http://www.guzera.org.br/ecologia.htm>, acessado em 03/09/2006.

ASBIA. 2006. **Relatório Estatístico de Produção, Importação e Comercialização de Sêmen (2006)**. Disponível em <http://www.asbia.org.br/download/mercado/relatorio206.pdf>, acessado em 19/06/2007.

BARON, E.E.; MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; COUTINHO, L.L. 2002. Parentage testing and effect of misidentification on the estimation of breeding value in Gir cattle. **Genetics and Molecular Biology**, **25(4)**: 389-394.

BEZERRA, J.A. 2007. **Raças zebuínas no Brasil**. Disponível em http://globorural.globo.com/barra.asp?d=/edic/183/rep_pecuaria.htm, acessado em 01/10/2007.

BIFFANI, S.; SAMORÉ, A.B.; CANAVESI, F. 2002. Inbreeding depression for production, reproduction and functional traits in Italian Holstein cattle. In: **7th World Congress Applied to Livestock Production**. Montpellier, França, CD-ROM.

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics, Selection, Evolution**, **29**: 5-23.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. 1995. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Beltsville: U.S. Department of agriculture, Agricultural Research Service, 125pp.

BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SARMENTO, J.L.R.; TORRES FILHO, R.A.; MOITA, A.K.F. 2004. Endogamia e Limite de Seleção em Populações Seleccionadas Obtidas por Simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, **33** (6): 2017-2025 (Supl. 2).

BRINKS, J.W.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. 1961. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, **20** (4): 903.

CAMPOS, L. C. C. 2006. **Guzerá**. Núcleo de Estudos em Pecuária de Corte - Universidade Federal de Lavras - Departamento de Zootecnia - Lavras – MG. Disponível em <http://www.nucleoestudo.ufla.br/nepec/guzera.htm>, acessado em 19/12/2006.

CASANOVA, L.; HAGGER, C.; KUENZI, N.; SCHNEEBERGER, M. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. **Journal of Dairy Science**, **75**: 1119-1126.

CASSEL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. 2003a. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, **86**: 2967-2976.

CASSEL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. 2003b. Maternal and fetal inbreeding depression for 70-day nonreturn and calving rate in Holsteins and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, **86**: 2977-2983.

CRANDALL, K.A.; POSADA, D.; VASCO, D. 1999. Effective population sizes: missing measures and missing concepts. **Animal Conservation** **2**: 317–319.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4ed., Longman: New York, 464 pp.

FAO. 1998. **Animal Production and Health Papers** – 24.

FARIA, F.J.C. 2002. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. Tese de Doutorado, EV-UFGM, Belo Horizonte, MG, 177 pp.

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; PENNA, V.M.; JOSAHKIAN, L.A. 2001. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Guzerá. In: **Anais da 38ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, CD-ROM.

FARIA F.J.C.; VERCESI FILHO A.E.; MADALENA F.E.; PENNA V.M.; JOSAHKIAN L.A. 2004. Variabilidade genética da raça Guzerá. In: **V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, Pirassununga, SP.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics, Selection, Evolution**, **35**: 43-63.

GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, **122**: 172-176.

HENDERSON, C.R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, **31**: 69-83.

LACY, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, **8**: 111-123.

MAIGNEL, L; BOICHARD, D; VERRIER, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, **14**: 49-54.

MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C; OLIVEIRA, H.N.; FRAGA, A. 1998. Efeitos de endogamia nos pesos pré-desmama da raça Simental no Brasil. In: **Anais da 35ª Reunião da SBZ**, pp. 491-493.

MELO, V.M.M. 2006. **Nova tendência: crescimento dos sistemas de duplo propósito fará do Guzerá a “bola da vez” da pecuária**. Disponível em http://www.guzeramoet.com.br/artigo_virgilio.htm, acessado em 21/10/2006.

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics, Selection, Evolution**, **24**: 305-313.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. 1999. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, **28 (4)**: 721-728.

PEIXOTO, M.G.C.D.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; PENNA, V.M.; MARTINEZ, M.L. 2006. Genetic trend for milk yield in Guzerat herds participating in progeny testing and MOET nucleus schemes. **Genetics and Molecular Research**, **5**: 454-465.

PEIXOTO, M.G.C.D.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; PENNA, V.M.; MACHADO, M.A.; CARVALHO, M.R.S. 2007. **Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite: Resultados do Teste de Progênie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo Moet**. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG.

QUAAS, R.L. 1976. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, **32**: 949-953.

QUEIROZ, S.A.; LÔBO, R.B.; MARTINEZ, M.L. 1993. Efeito da endogamia sobre algumas características de importância econômica na raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, **22 (5)**: 773-786.

RAMENZONI, D.E. 2006. **Raça Guzerá ganha participação na pecuária**. Disponível em http://www.revistanegocios.com.br/ver_noticias.asp?tp=1&cat=26&nt=934, acessado em 19/07/2006.

REIS FILHO, J.C. 2006. **Endogamia na raça Gir**. Dissertação de Mestrado, UFV, Viçosa, MG, 49 pp.

SANTIAGO, A.A. 1975. **Os cruzamentos na pecuária bovina**. São Paulo: Instituto de Zootecnia, São Paulo, SP, 549 pp.

SANTIAGO, A.A. 1986. **O Zebu na Índia, no Brasil e no mundo**. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 745 pp.

TEODORO, R.L.; POGGIAN, C.F.; VERNEQUE, R.S.; PENNA, V.M.; MACHADO, M.A.; PIRES, M.F.A.; PEIXOTO, M.G.C.D. 2007. Estrutura genética da raça Guzerá (*Bos indicus*) selecionada para leite no Brasil. In: **XX Reunião ALPA, XXX Reunião APPA**, Cusco, Peru, CD-ROM.

SAS. 2002. **SAS Users Guide: Statistics, Version 9.1**. Cary, NC, SAS Institute Inc.

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. 2000a. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, **83**: 1856-1864.

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; WOLFE, C.W. 2000b. Effects of inbreeding on production and survival in Jerseys. **Journal of Dairy Science**, **83**: 2131-2138.

VAN RANDEN, P.M. 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. **Journal of Dairy Science**, **75**: 3136-3144.

VAN RANDEN, P.M.; SMITH, L.A. 1999. Selection and mating considering expected inbreeding of future progeny. **Journal of Dairy Science**, **82**: 2771-2778.

VANZIN, I.M. 2007. **Inseminação artificial e manejo reprodutivo de bovinos**. Disponível em <http://www.inseminacaoartificial.com.br>, acessado em 06/12/2007.

VERNEQUE, R.S. 2005. **Programa Geração**. Rotina para cálculo do coeficiente de geração. Comunicação pessoal.

VIEIRA, H.C.M.; VOZZI, P.A.; ZAMBIANCHI, A.R.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B.; FREITAS, M.A.R.; OLIVEIRA, J.A. 2005. Estudo da endogamia em bovinos da raça Guzerá participantes de programa de melhoramento genético. In: **Anais da 42ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Goiânia, GO, CD-ROM.

WANG, J.; CABALLERO, A. 1999. Developments in predicting the effective size of subdivided populations. **Heredity**, **82**: 212-226.

WEIGEL, K.A. 2001. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. **Journal of Dairy Science**, **84**: E177-E184.

WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. 2000. Use of computerized mate selection programs to control inbreeding of Holstein and Jersey cattle in the next generation. **Journal of Dairy Science**, **83**: 822-828.

WIGGANS, G.R.; VAN RANDEN, P.M.; ZUURBIER, J. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, **78**: 1584-1590.

WRIGHT, S. 1923. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. **Journal of Heredity**, **14**: 339-348.

YOUNG, C.W.; SEYKORA, A.J. 1996. Estimates of inbreeding and relationship among registered Holstein females in the United States. **Journal of Dairy Science**, **79**: 502-505.